پژوهش‌های حبوبات ایران
سال(دوره)۱۱ شمارهٔ۲، نیمهٔ دوّم ۱۳۹۹
صفحهٔ ۱۶۳-۱۵۰، نوع مقاله: پژوهشی

Iranian Journal of Pulses Research
Vol. 11, No. 2, 2020, p. 150-163 (Research Article)
DOI: 10.22067/ijpr.v11i2.70383

ارزیابی تنوع‌پذیری و شناسایی صفات مؤثر بر عملکرد لاین‌های امیدبخش نخود تحت شرایط تنش خشکی

سید سعید موسوی[1]*، محمدرضا عبداللهی[2]، فاطمه عبدی[3] و همایون کانونی[4]

۱- استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی‌سینا، همدان، ایران
۲- دانشیارگروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی‌سینا، همدان، ایران؛ m.abdollahi@basu.ac.ir
۳- دانشجوی دکترای اصلاح نباتات، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ایران؛ fatemeh.abdi.ba@gmail.com
۴-دانشیار بخش تحقیقات زراعی باغی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کردستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، سنندج، ایران؛ hkanouni@gmail.com

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۰۲/۰۴
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۰۲/۳۰

چکیده

اولین گام جهت موفقیت در هر برنامه به نژادی، ارزیابی تنوع ژرم‌پلاسم و برآورد پارامترهای ژنتیکی مرتبط با تنوع در صفات مختلف می‌باشد. اهداف اصلی این تحقیق، ارزیابی ۲۰ ژنوتیپ نخود با استفاده از روش‌های مختلف آماری، برآورد برخی از پارامترهای ژنتیکی صفات مهم اگرومورفولوژیکی و شناسایی مهم‌ترین صفات مؤثر بر افزایش عملکرد دانه آن‌ها بود. جهت رسیدن به این اهداف، آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار تحت شرایط دیم در مزرعه پژوهشی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان کردستان- ایستگاه سنندج در سال زراعی ۱۳۹۲-۱۳۹۱ انجام شد. هرچند که مقدار زیاد مؤلفه اول و عامل اول، به‌عنوان «مؤلفه یا عامل عملکرد و اجزای عملکرد»، مورد نظر بود، ولی مقدار بینابین مؤلفه دوم و عامل دوم، به‌عنوان «مؤلفه یا عامل رشد رویشی» پیشنهاد شد. بیشترین هم‌راستایی مثبت صفات با مؤلفه و عامل اول، به‌ترتیب مربوط به زیست‌توده، عملکرد دانه در بوته، تعداد غلاف در بوته و تعداد دانه در بوته بود که بر این اساس، صفات زیست‌توده، تعداد غلاف در بوته و تعداد دانه در بوته، به‌عنوان مهم‌ترین صفات مؤثر بر افزایش عملکرد دانه تحت شرایط دیم شناخته شدند. به‌طور معکوس، افزایش بی‌رویه صفت تعداد شاخه اصلی در بوته، بیشترین ارتباط منفی را با مؤلفه و عامل اول، یعنی با عملکرد دانه، نشان داد و به‌عنوان نامطلوب‌ترین صفت با تأثیر منفی بر عملکرد دانه در شرایط این آزمایش شناسایی شد. پراکنش مطلوب ژنوتیپ‌ها در هر چهار ناحیه بای‌پلات‌ها بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بالا در بین آن‌ها بود. از بین صفات مورد نظر، صفات وزن۱۰۰دانه، زیست‌توده و عملکرد دانه بیشترین تنوع ژنتیکی را نشان دادند. نتایج تجزیه خوشه‌ای بیانگر این بود که خوشه دوم، به‌عنوان «خوشه عملکرد دانه»، دارای بیشترین فاصله ژنتیکی با اعضای خوشه سوم بود که انجام تلاقی بین ژنوتیپ‌های این دو خوشه، منجر به بروز تنوع چشمگیری در اولین نسل تفرق خواهد شد. نتایج تجزیه تابع تشخیص، صحت گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای را به طور صددرصد تأیید نمود. طبق نتایج این آزمایش، انتخاب برای مقدار بیشتر صفات زیست‌توده، تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته و مقدار کمتر تعداد شاخه اصلی در بوته، منجر به بهبود عملکرد دانه تحت شرایط دیم خواهد شد. از بین صفات، وزن۱۰۰دانه و زیست‌توده دارای بیشترین تنوع ژنتیکی بودند که از این تنوع موجود می‌توان در راستای انتخاب غیرمستقیم جهت بهبود عملکرد دانه در این ژرم‌پلاسم و تحت شرایط دیم استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه تابع تشخیص، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه عاملی، تنش خشک

مقدمه

در بین حبوبات، نخود زراعی پس از لوبیا و نخودفرنگی، رتبه سوم اهمیت جهانی را دارد و دارای نقش ویژه‌ای در تغذیه مردم جهان و ایران می‌باشد (Kanouni, 2001). یکی از مزایای قابل توجه برای به‌نژادی این گیاه در ایران، وجود ژرم‌پلاسم بومی غنی و متنوع است که این امر امکان ایجاد لاین‌های امیدبخش و معرفی ارقام جدید سازگاری به شرایط نامطلوب محیطی، به‌ویژه ارقام متحمل به تنش خشکی را فراهم خواهد کرد. در حقیقت، با وجود سازگاری نسبی این گیاه به تنش رطوبتی (Moosavi *et al.*, 2017)، متأسفانه یکی از مهم‌ترین عوامل محیطی محدودکننده مقدار و پایداری عملکرد در این گیاه غنی از پروتئین، تنش خشکی آخر فصل می‌باشد (Imtiaza, 2010). در واقع از بین عوامل نامطلوب محیطی، تنش خشکی مهم‌ترین محدودکننده رشد و عملکرد گیاهان در سرتاسر جهان

*نویسنده مسئول: s.moosavi@basu.ac.ir

می‌باشد (Ashraf & Harris, 2006). در بین کشورهای جهان، کشور ایران با متوسط بارندگی سالیانه حدود ۲۵۰ میلی‌متر در سال، جزو مناطق خشک و نیمه خشک جهان محسوب می‌شود (FAO, 2010) و این در حالی است که در ایران حدود ۹۸درصد از سطح زیرکشت نخود به صورت دیم می‌باشد (Anonymous, 2009). بنابراین با توجه به وجود مشکل اساسی تنش خشکی و بر اساس وجود ژرم‌پلاسم غنی این گیاه در ایران، ایجاد و ارزیابی لاین‌های امیدبخش جهت معرفی ارقام سازگار با عملکرد بالا امری لازم و اجتناب ناپذیر است. در واقع، یکی از مشکلات اساسی کاشت این گیاه، عملکرد پایین آن است، به‌طوری‌که بر اساس گزارش‌های فائو (FAO, 2017)، متوسط عملکرد نخود در جهان و ایران به‌ترتیب حدود ۱۰۰۰ و ۶۰۰ کیلوگرم در هکتار بوده است، در حالی که متوسط تولید نخود در ایران در مقایسه با میانگین کشورهای مهم تولید کننده نخود بسیار پایین‌تر از آمار فوق است. در راستای حل این مشکل، ارزیابی وجود تنوع اولیه در ژرم‌پلاسم‌های بومی و ارزیابی لاین‌های پیشرفته تحت شرایط مختلف رطوبتی، لازمه شروع و ادامه یک برنامه به‌نژادی موفق در این زمینه و بعبارتی پیش نیاز معرفی ارقام جدید می باشد. در واقع، وجود سه عامل وراثت‌پذیری بالا، تنوع بالا و شدت گزینش، لازمه پاسخ به گزینش و در نتیجه عامل اصلی در به‌نژادی هر صفت می‌باشد (Falconer & Mackay, 1996). در این راستا، روش‌های تجزیه‌های چند متغیره، یکی از روش‌های مطلوب جهت ارزیابی ژرم‌پلاسم‌های گیاهی و برآورد تنوع ژنتیکی در آن‌ها است. از آنجا که روش‌های آماری چندمتغیره به طور همزمان چندین اندازه‌گیری را مدنظر قرار می‌دهند، لذا در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی بر پایه داده‌های مورفولوژی، بیوشیمیایی و مولکولی کاربرد وسیعی دارند. از بین روش‌های مختلف تجزیه چندمتغیره، تجزیه به‌مؤلفه‌های اصلی، تجزیه عاملی، تجزیه خوشه‌ای و تجزیه تابع تشخیص از مهم‌ترین این روش‌ها جهت تجزیه و تحلیل روابط ژنتیکی موجود در مواد اصلاحی می‌باشند (Mohammadi & Prasanna, 2003). انجام این‌گونه پژوهش‌ها خاص مقطع زمانی خاصی نمی‌شوند و انجام مکرر آن‌ها در هر منطقه متناسب با شرایط آب و هوایی خاص آن منطقه لازم و ضروری است. در واقع یکی از اهداف مهم به نژادی، گزینش به منظور انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها است و به منظور دستیابی به این هدف، جامعه مورد مطالعه باید از نظر صفات مورد بررسی دارای تنوع قابل توجهی باشد (Broughton, 2003) که آگاهی از این تنوع خود نیازمند ارزیابی ژرم‌پلاسم می‌باشد (Ramirez,1991). در واقع بهبود محصول از طریق استفاده از تنوع ژنتیکی، کلید موفقیت برنامه‌های به‌نژادی است (Renganayaki *et al.*, 2001). دلایل زیادی برای نیاز به ارزیابی صحیح تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت‌های گیاهی وجود دارد. از این دلایل می‌توان به گواهی بذر، حمایت یا نگهداری صحیح تنوع ژنتیکی گیاهان (Dwevdi & Gaibriyal, 2009)، تجزیۀ تغییرپذیری ژنتیکی در ژنوتیپ‌ها، توزیع و نگهداری ژرم‌پلاسم (Zheleva *et al.*, 2007) و انتخاب صحیح والدهای برتر برای تلاقی‌ها (Tahir & Karim, 2011) اشاره کرد. جهت نیل به اهداف فوق، تحقیقات مختلفی در حال انجام می‌باشد.

Mohammadali-Pouryamchi *et al*, (2012) تنوع صفات فنولوژیکی و رابطه بین عملکرد تک‌بوته و سایر صفات را ارزیابی کرده و تنوع معنی‌داری را برای بیشتر صفات گزارش کردند. تحقیقات مختلف نشان دادند که توده‌های نخود کابلی دارای تنوع معنی‌دار برای بیشتر صفات مهم آگرومورفولوژیکی بودند (Kanouni, 2001; Jahansouz *et al.*, 2005; Aghaei *et al.*, 2005; Najibnia *et al*, 2008; Dwevedi & Gaibriyal, 2009; Chaghamirza *et al.*, 2012). در تحقیقی (Hassan *et al.*, 2008) بیشترین مقدار وراثت‌پذیری به‌ترتیب مربوط به صفات تعداد شاخه فرعی، وزن۱۰۰دانه و تعداد روز تا گلدهی بود. همچنین Moosavi *et al*, (2017) اظهار داشتند که به‌ترتیب صفات وزن۱۰۰دانه، زیست‌توده و عملکرد دانه دارای بیشترین و صفات فنولوژیکی، کمترین وراثت‌پذیری را تحت شرایط دیم داشتند. Ozveran Yucel *et al*, (2006) در مطالعه گیاه نخود، وراثت‌پذیری صفت تعداد روز تا ۵۰ در صد گلدهی را پایین‌تر و وراثت‌پذیری صفات تعداد دانه در بوته، وزن۱۰۰۰دانه و تعداد غلاف در بوته را بالاتر از سایر صفات برآورد کردند. Noor *et al*, (2003) اظهار داشتند که صفات تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی، تعداد شاخه فرعی و وزن۱۰۰دانه وراثت‌پذیری بالایی نشان دادند. Arshad *et al*, (2002) وراثت‌پذیری پایینی را برای صفات تعداد شاخه اصلی و فرعی گزارش کردند. در تحقیقی (Jackson, 1991) از روش تجزیه به عامل‌ها، قبل از تجزیه خوشه‌ای استفاده شد تا اهمیت متغیرهایی که در خوشه‌ها نقش دارند، روشن‌تر شود. در این تحقیق مشخص شد که اصلاح در جهت افزایش یا کاهش عامل‌ها، به وسیله تغییر در اجزاء آن‌ها امکان‌پذیر است. Toker (2003) در تحقیقی تعداد چهار عامل، با ۸۷ درصد واریانس را شناسایی کرد، در حالی‌که در تحقیقی دیگر (Toker & Cagirgan, 2004) سه عامل مهم شناسایی شدند. Sabokdast & Khialparast (2008) سه عامل اصلی را در گیاه لوبیا استخراج کردند که ۷۸/۷ درصد از تغییرات کل داده ها را توجیه می‌کردند. Dargahi (2006) در تحقیقی نشان داد

که هفت مؤلفه اصلی حدود ۶۵/۴۳ درصد از کل واریانس صفات را توجیه کردند. Ray chadhury (2007) به منظور آشکارسازی روابط ژنتیکی، ارقام نخود فرنگی را به دو خوشه اصلی با دو زیر گروه در هر خوشه دسته‌بندی کردند. Poryamachi *et al*, (2011) با انجام تجزیه خوشه‌ای، ۶۴ژنوتیپ نخود را در چهار گروه قرار داده و اظهار داشتند که بیشترین تنوع بین ژنوتیپ‌های خوشه اول و سوم وجود دارد.

محققان مختلف (Moosavi *et al*., 2015; Ghorbani, 2009) از روش تجزیه تابع تشخیص، برای آزمون صحت گروه بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای در گیاهان مختلف استفاده کرده‌اند.

اهداف این پژوهش عبارت بودند از: ۱- ارزیابی و گروه بندی ژرم‌پلاسم مورد مطالعه، ۲- شناسایی مهم‌ترین صفات مرتبط با افزایش عملکرد دانه و ۳- برآورد برخی از پارامترهای ژنتیکی در صفات مهم اگرومورفولوژیکی تحت شرایط تنش خشکی.

مواد و روش‌ها

این تحقیق شامل ۱۸ لاین امیدبخش و دو رقم نخود زراعی (*Cicer arientinum* L.) بود (جدول ۱) که ژنوتیپ‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار به صورت دیم و با استفاده از بارش‌های طبیعی در مزرعه پژوهشی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان کردستان- ایستگاه سنندج با عرض جغرافیایی ۱۴ درجه و ۳۵ دقیقه شمالی، طول جغرافیایی ۱۴ درجه و ۴۶ دقیقه شرقی و ارتفاع ۱۴۵۰ متر از سطح دریا در سال زراعی ۱۳۹۲-۱۳۹۱ اجرا گردید (جدول ۲). عملیات آماده‌سازی زمین شامل شخم عمیق، دو مرحله دیسک عمود بر هم و سپس تسطیح زمین توسط لولر بود. توزیع کودهای پایه نیتروژن، پتاس و فسفر بر اساس آزمایش خاک و توصیه‌های کودی مربوطه انجام گرفت. هر کرت آزمایشی از سه ردیف پنج‌متری تشکیل شد که فاصله بین ردیف‌ها ۲۵ سانتی متر و فاصله بین بوته‌ها در روی ردیف ۱۰ سانتی‌متر درنظر گرفته شد (Moosavi *et al*., 2017). صفات روز تا ۵۰درصد گل‌دهی، روز تا ۵۰ درصد غلاف‌دهی، روز تا رسیدگی فیزیولوژی محتوای نسبی آب (Siddique *et al*., 1990)، تعداد شاخه فرعی در بوته، تعداد شاخه اصلی در بوته، تعداد دانه در بوته، تعداد غلاف در بوته، ارتفاع بوته و وزن۱۰۰۰دانه، با رعایت اثر حاشیه و براساس انتخاب تصادفی ۱۰بوته از هر کرت، اندازه‌گیری شدند. همچنین جهت افزایش صحت اندازه‌گیری‌ها، صفات مهم عملکرد دانه، زیست‌توده و شاخص برداشت بر اساس میانگین کل بوته‌های کاشته شده در واحد سطح، پس از درنظرگرفتن اثر حاشیه، محاسبه شدند. جهت بررسی تنوع لاین‌ها براساس صفات مهم اگرومورفولوژیکی و برای نیل به اهداف مورد نظر، از روش‌های آماری مختلف از جمله تجزیه مؤلفه اصلی، تجزیه به عامل‌ها، تجزیه خوشه‌ای و تجزیه تابع تشخیص استفاده شد. کلیه محاسبات و تجزیه‌های آماری از طریق نرم‌افزارهای SPSS و Minitab انجام پذیرفت. ضریب تنوع ژنوتیپی و ضریب تنوع فنوتیپی به ترتیب با استفاده از روابط زیر به‌دست آمد. در رابطه ۱ و ۲ اجزای PCV، GCV، σ^2_{ph}، σ^2_g و $\bar{x}$ به‌ترتیب نشان‌دهنده ضریب تنوع فنوتیپی، ضریب تنوع ژنتیکی، واریانس فنوتیپی، واریانس ژنتیکی و میانگین صفت مورد نظر می‌باشند. واریانس ژنتیکی و واریانس فنوتیپی در روابط ۱ و۲ طبق روش Hallauer & Miranda, (1998) محاسبه شد.

به منظور تعیین میزان خویشاوندی لاین‌ها و گروه‌بندی آن‌ها بر مبنای صفات مورد بررسی، گروه‌بندی به روش وارد و با تشکیل ماتریس فاصله مربع پیرسون انجام شد.

$$PCV = \frac{\sqrt[2]{\sigma^2_{ph}}}{\bar{x}} \times 100 \ (1) \qquad GCV = \frac{\sqrt[2]{\sigma^2_{g}}}{\bar{x}} \times 100 \ (2)$$

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های مورد استفاده

Table 1. The characters of the used genotypes

شماره ژنوتیپ Gen. number	نام ژنوتیپ Gen. name	شجره ژنوتیپ Gen. pedigree	شماره ژنوتیپ Gen. number	نام ژنوتیپ Gen. name	شجره ژنوتیپ Gen. pedigree
1	ICCV10302	ICCV2 × ICC17109	11	ICCV10314	ICCV92311 × ICC17109
2	ICCV10303	ICCV2 × ICC17109	12	ICCV10315	ICCV92311 × ICC17109
3	ICCV10304	ICCV2 × ICC17109	13	Jam (Control 1)	ICCC37 × ICC12451
4	ICCV10305	ICCV2 × ICC17109	14	ICCV10105	ICCC37 × ICC12451
5	ICCV10307	ICCV92311 × ICC17109	15	ICCV10111	ICCC37 × ICC12451
6	ICCV10308	ICCV92311 × ICC17109	16	ICCV10112	ICCC37 × ICC12451
7	ICCV10309	ICCV92311 × ICC17109	17	ICCV10114	ICCC37 × ICC12451
8	ICCV10310	ICCV92311 × ICC17109	18	ICCV10115	ICCC37 × ICC12451
9	ICCV10311	ICCV92311 × ICC17109	19	ICCV10117	ICCV93954 × ICC11321
10	ICCV10312	ICCV92311 × ICC17109	20	Pirouz (Control 2) (Control2)	ICCV93954 × ICC11321

جدول ۲- اطلاعات متوسط بارندگی و متوسط دما درمحل اجرای آزمایش

Table 2. The information of the average of raining and temperature in the experiment sit

سال Year ماه Month	1391 2013 اسفند March	1392 2013 فروردین April	1392 2013 اردیبهشت May	1392 2013 خرداد June	1392 2013 تیر July	1392 2013 مرداد August	1392 2013 شهریور September
بارندگی (میلی‌متر) Raining (mm)	15.6	35.3	63.6	0	0	0	0
دما (سانتی‌گراد) Temperature (ºC)	9.5	13.2	16.8	24.4	28.5	27.8	21

نتایج و بحث

تجزیه به مؤلفه اصلی

طبق نتایج (جدول ۳)، سه مؤلفه اصلی اول در کل، ۷۶درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه کردند. مؤلفه اول با توجیه ۴۷ درصد از تغییرات کل، در حالی‌که بیشترین ارتباط مثبت را به‌ترتیب با صفات زیست‌توده، تعداد غلاف در بوته، عملکرد دانه، و تعداد دانه در بوته داشت، با صفات تعداد شاخه اصلی در بوته و شاخص برداشت دارای ارتباط منفی بود. با توجه به ارتباط مثبت و قوی این مؤلفه با صفات عملکرد و اجزای عملکرد، این مؤلفه به‌عنوان «مؤلفه عملکرد و اجزای عملکرد» نامیده شد که بر این اساس، مقدار بیشتر این مؤلفه مورد نظر بود. در واقع، افزایش مقدار این مؤلفه در یک ژنوتیپ خاص، منجر به افزایش عملکرد دانه در آن ژنوتیپ خواهد شد. نکته قابل توجه در این نتیجه، وجود ارتباط مثبت و قوی این مؤلفه با زیست‌توده است که چون بین افزایش زیست‌توده و شاخص برداشت رابطه معکوس وجود دارد، البته اگر بخش عمده زیست‌توده شامل بخش‌های رویشی و نه زایشی باشد، لذا رابطه این مؤلفه با شاخص برداشت منفی است. در حقیقت از این نتیجه شاید بتوان چنین استنباط کرد که در ژرم‌پلاسم مورد مطالعه، لاین‌هایی که عملکرد بالایی داشته‌اند، این عملکرد بالا را از طریق زیست‌توده بالا و قدرت بالای انتقال از منبع[1] به مخزن[2] بدست آورده‌اند. به‌عبارتی دیگر با توانایی بالا در تولید زیست‌توده خود و از طرفی دیگر با افزایش سرعت انتقال مجدد از منبع (برگ‌ها و ساقه‌ها و...) به مخزن (دانه‌ها)، بخش عمده‌ای از وزن زیست‌توده خود را به افزایش وزن دانه‌ها اختصاص داده‌اند. مؤلفه دوم با توجیه حدود ۲۰ درصد از تغییرات کل، در حالی‌که با صفات ارتفاع بوته، تعداد شاخه فرعی در بوته و وزن۱۰۰دانه بیشترین رابطه مثبت را نشان داد، با صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژی رابطه منفی و به نسبت قوی داشت. در واقع هرچقدر طول دوره رشدی گیاه کوتاه‌تر باشد، منجر به کاهش رشد رویشی خواهد شد. بنابراین با توجه به ماهیت این صفات می‌توان این مؤلفه را «مؤلفه رشد رویشی» نامید. از طرفی دیگر با توجه به محدودیت رطوبت در شرایط دیم و نیاز گیاه برای کاهش نسبی دوره رشدی خود، افزایش بیش از حد مؤلفه مربوط به رشد رویشی در شرایط تنش خشکی مطلوب نیست. این در حالی‌است که کاهش بیش از حد این صفات هم، ازجمله وزن۱۰۰دانه، منجر به کاهش عملکرد نهایی خواهد شد. بنابراین بر اساس استدلال‌های فوق‌الذکر، مقادیر بینابین این مؤلفه مطلوب و مورد نظر می‌باشد. در نتیجه، با توجه به مقدار بیشتر مؤلفه اول و مقدار بینابینی مؤلفه دوم، مرز بین ناحیه اول و چهارم نمودار بای‌پلات مؤلفه های اصلی، مطلوب و مورد نظر است. بر اساس این استدلال، ژنوتیپ‌های شماره۳، ۶، ۱۳ و ۱۹ به عنوان مطلوب‌ترین، و لاین های شماره ۱۷، ۷، ۸ و ۴ به عنوان نامطلوب‌ترین لاین‌ها، شناخته شدند. با توجه به نمودار بای‌پلات مؤلفه‌های اصلی (شکل ۱)، می‌توان چنین استنباط کرد که تنوع ژنتیکی قابل توجهی در بین ژنوتیپ‌های مورد نظر وجود دارد، چراکه ژنوتیپ‌ها در هر چهار ناحیه بای‌پلات پخش شده‌اند و این بیانگر وجود تنوع چشمگیر در بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد. در حقیقت در روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، علاوه بر کاهش حجم داده‌ها، وجود یا عدم وجود تنوع در ژرم‌پلاسم مورد نظر نیز ارزیابی می‌شود (Malik *et al.*, 2014). به‌عبارتی دیگر، روش تجزیه به مؤلفه اصلی با دادن اطلاعاتی در مورد گروه‌هایی که در آن‌ها صفات خاص اهمیت بیشتری دارد، به به‌نژادگران اجازه می‌دهد که برنامه‌های به‌نژادی را با آگاهی بیشتر انجام دهند (Salimi *et al.*, 2012). محققان دیگر (Ghafoor, 2003; Ganjali *et al.*, 2009; Hamayoon *et al.*, 2011; Shiv *et al.*, 2012; Malik *et al.*, 2014) از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی جهت ارزیابی تنوع و انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب استفاده کردند. در دو تحقیق جداگانه به ترتیب بر روی ۳۶ لاین نخود زراعی تیپ کابلی (Kamel & Moradi,

---
۱. Source

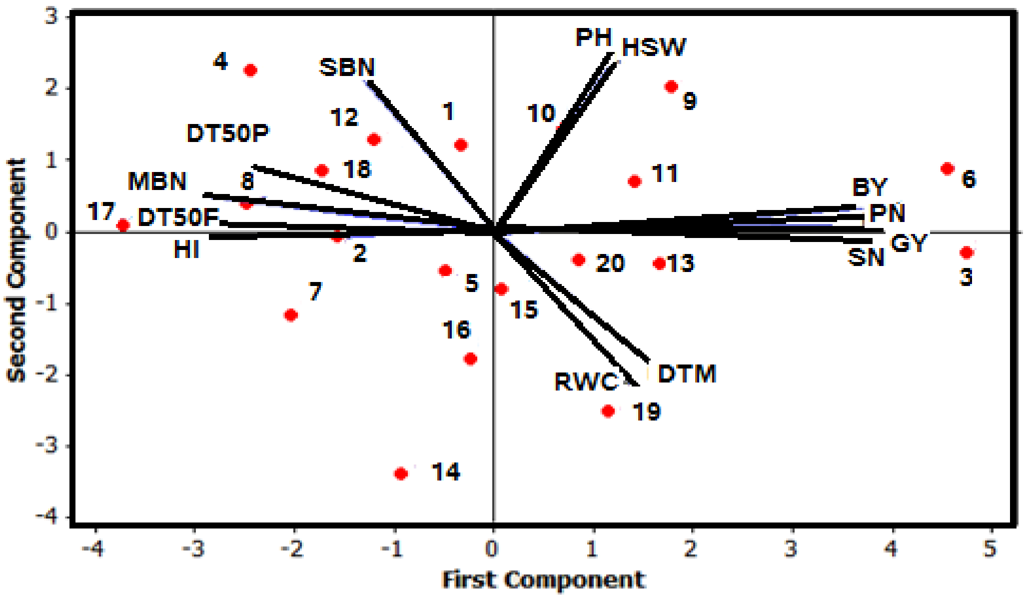
۲. Sink

2008)، و ۱۵ ژنوتیـپ نخـود (Pezeshkpour *et al.*, 2018) تعداد چهار مؤلفه به‌دست آمد که بـه‌ترتیـب در آن‌هـا، ۷۷/۲ و ۸۰ درصد از تغییرات کل داده‌ها توسط این مؤلفـه‌هـای اصـلی تبیین می‌شد. در هر دو تحقیق، مؤلفه اول با بیشترین واریانس، به عنوان مؤلفه اجزای عملکرد شناسایی شد که افزایش صـفات مرتبط با این مؤلفه به عنوان نتیجه نهایی جهت بهبود عملکـرد دانه پیشنهاد شد.

جدول ۳-ضرایب تجزیه به مؤلفه اصلی برای ۲۰ ژنوتیپ نخود زراعی تحت شرایط تنش خشکی

Table 3. Coefficients of principal component analysis for 20 chickpea genotypes under drought stress condition

صفات Traits		مؤلفه اول First com.	مؤلفه دوم Second com.	مؤلفه سوم Third com.
Relative water content	محتوای آب نسبی	0.097	-0.358	0.068
Sub-branche number	تعداد شاخه فرعی	-0.113	0.436	-0.427
Main-branche number	تعداد شاخه اصلی	-0.339	0.134	-0.229
Seed number per plant	تعداد دانه در بوته	0.398	0.028	-0.172
Pod number per plant	تعداد غلاف در بوته	0.420	0.060	0.001
Plant height	ارتفاع بوته	0.117	0.556	0.288
100-Seed weight	وزن۱۰۰دانه	0.095	0.433	0.534
Harvest index	شاخص برداشت	-0.295	-0.032	-0.015
Biomass	زیست‌توده	0.426	0.065	-0.131
Grain yield	عملکرد دانه	0.404	0.051	-0.155
Days to physiologic maturity	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	0.141	-0.377	0.396
Days to 50% podding	روز تا ۵۰ درصد غلافدهی	-0.134	0.112	0.122
Days to 50% flowering	روز تا ۵۰ درصد گلدهی	-0.192	0.015	0.388
Eigen values	مقادیر ویژه	4.8523	2.0743	1.6477
Cumulative variance	واریانس تجمعی	0.470	0.672	0.760



شکل ۱- نمودار بای‌پلات دو مؤلفه اصلی اول برای ۲۰ ژنوتیپ نخود تحت شرایط تنش خشکی

Fig. 1. Biplot graph of two-first principal components for 20 chickpea genotypes under drought stress condition

RWC, Relative water content (محتوای آب نسبی); SBN, Sub-branche number (تعداد شاخه فرعی); MBN, Main branche number (تعداد شاخه اصلی); SN, Seed number per plant (تعداد دانه در بوته); PN, Pod number per plant (تعداد غلاف در بوته); PH, Plant height (ارتفاع بوته); HSW, 100-Seed weight (وزن۱۰۰دانه); HI, Harvest index (شاخص برداشت); BY, Biomass (زیست‌توده); GY, Grain yield (عملکرد دانه); DTM, Days to physiologic maturity (روز تا رسیدگی فیزیولوژی); DT50P, Days to 50% podding (روز تا ۵۰ درصد غلافدهی) ; DT50F, Days to 50% flowering (روز تا ۵۰ درصد گلدهی).

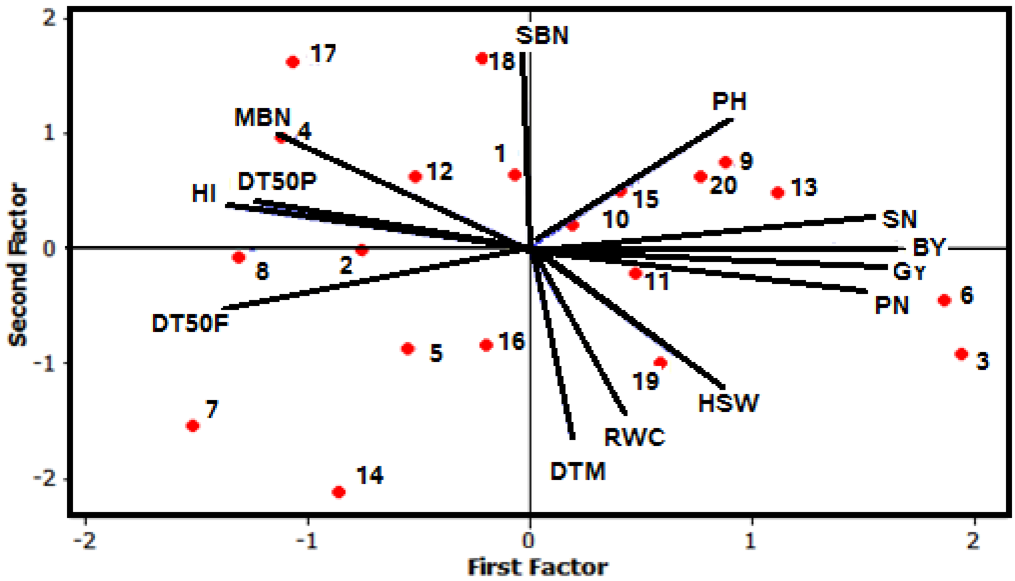
تجزیه به عامل‌ها

ماتریس ضرایب عاملی پس از چرخش وریماکس، بر مبنای روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برآورد شدند (جدول۴). سه عامل اصلی اول در مجموع ۷۵/۹ درصد از تغییرات موجود در کل داده‌ها را توجیه کردند. عامل اول به تنهایی حدود ۴۵ درصد از تغییرات کل را توجیه کرد و با صفات زیست‌توده، عملکرد دانه، تعداد دانه در بوته و تعداد غلاف در بوته بیشترین رابطه مثبت و با صفات تعداد شاخه اصلی و شاخص برداشت ارتباط منفی داشت. با توجه به رابطه مثبت و قوی عامل اول با صفات مهم فوق، عامل اول به‌عنوان «عامل عملکرد و اجزای عملکرد» شناخته شد که مقدار زیاد آن مورد نظر است. نکته قابل توجه، وجود بیشترین ارتباط قوی و مثبت بین این عامل و صفات زیست‌توده و عملکرد دانه است که از این نتیجه شاید بتوان استنباط کرد ژنوتیپ‌هایی که عملکرد دانه بالایی داشته‌اند، افزایش عملکرد آن‌ها هم از طریق زیست‌توده بالا و هم از طریق توانایی انتقال بخش عمده‌ای از این زیست‌توده به مخازن از طریق داشتن پتانسیل بالا برای تعداد دانه در بوته و تعداد غلاف در بوته می‌باشد. عامل دوم حدود ۱۸ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کرد و با صفات تعداد شاخه فرعی و تعداد شاخه اصلی رابطه قوی و مثبت و با صفت روز تا رسیدگی فیزیولوژیک رابطه قوی و منفی داشت. بنابراین می‌توان این عامل را «عامل بنیه رویشی یا عامل رشد رویشی» نامگذاری کرد که مقدار بینابینی آن تحت شرایط تنش خشکی مورد نظر است. بنابراین ناحیه مطلوب بای‌پلات تجزیه عاملی نیز، ناحیه بین ناحیه اول چهارم و بر عکس، ناحیه نامطلوب آن ناحیه بین ناحیه دوم و سوم بای‌پلات می‌باشد. بر این اساس مطلوب‌ترین ژنوتیپ، لاین‌های ۳ و ۶ و نامطلوب ترین لاین ۷، ۸، ۱۷ و ۴ می‌باشند. نکته قابل توجه در مقایسه نتایج تجزیه به مؤلفه‌ها و تجزیه به عامل‌ها این است که با وجود نتایج تقریباً یکسان و تأییدکننده حاصل از هر دو روش، ضرایب عاملی، بهتر از ضرایب مؤلفه‌ها عامل‌ها را از یکدیگر جدا کرده است. نتایج بای‌پلات تجزیه عاملی (شکل ۲) نیز تأییدکننده نتایج تجزیه مؤلفه‌ها (شکل ۱) است که هر دو نشان‌دهنده وجود تنوع بالا در ژرم‌پلاسم مورد نظر است. میزان اشتراک، بخشی از واریانس یک متغیر است که به عامل‌های مشترک مربوط می‌شود که هرچه بیشتر باشد، نشان‌دهنده دقت بیشتر در برآورد واریانس متغیر مربوطه می‌باشد (Jackson, 1991). همان‌گونه که ملاحظه می‌گردد، میزان اشتراک بیشتر صفات، بالا است که نشان می‌دهد تعداد عامل مورد انتخاب، مناسب بوده است و عامل‌های منتخب توانسته‌اند تغییرات صفات را به نحو مطلوبی توجیه نمایند (Naghavi *et al.*, 2005). با توجه به میزان اشتراک، صفات عملکرد زیست‌توده (۰/۹۱۲) به طور قابل‌توجهی تحت تأثیر تغییرات مقدار عامل اول قرار می‌گیرد.

جدول ۴- ضرایب تجزیه به عامل‌ها برای ۲۰ ژنوتیپ نخود تحت شرایط تنش خشکی

Table 4. Coefficients of factor analysis for 20 chickpea genotypes under drought stress condition

صفات Traits		مؤلفه اول First com.	مؤلفه دوم Second com.	مؤلفه سوم Third com.
Relative water content	محتوای آب نسبی	0.313	-0.478	-0.270
Sub-branche number	تعداد شاخه فرعی	-0.016	0.868	0.027
Main branche number	تعداد شاخه اصلی	-0.621	0.533	-0.185
Seed number per plant	تعداد دانه در بوته	0.901	-0.066	0.017
Pod number per plant	تعداد غلاف در بوته	0.902	-0.193	0.210
Plant height	ارتفاع بوته	0.198	0.248	0.862
100-Seed weight	وزن۱۰۰دانه	0.040	-0.070	0.946
Harvest index	شاخص برداشت	-0.613	0.158	-0.150
Biomass	زیست‌توده	0.948	-0.080	0.101
Grain yield	عملکرد دانه	0.912	-0.060	0.057
Days to physiologic maturity	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	0.094	-0.800	0.015
Days to 50% podding	روز تا ۵۰ درصد غلاف‌دهی	-0.314	0.091	0.175
Days to 50% flowering	روز تا ۵۰ درصد گلدهی	-0.551	-0.197	0.291
Eigen values	مقادیر ویژه	4.5341	2.0971	1.9431
Cumulative variance (%)	درصد واریانس تجمعی	0.449	0.63	0.759



شکل۲- نمودار بای‌پلات دو عامل اصلی اول برای ۲۰ ژنوتیپ نخود تحت شرایط تنش خشکی

Fig. 2. Biplot graph of two-first principal factors for 20 chickpea genotypes under drought stress condition

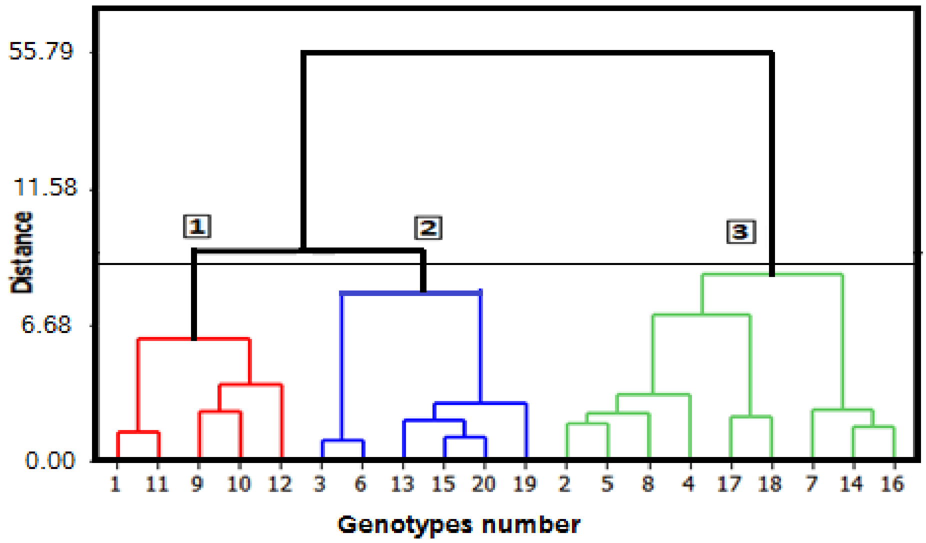
RWC, Relative water content (محتوای آب نسبی); SBN, Sub-branche number (تعداد شاخه فرعی); MBN, Main branche number (تعداد شاخ اصلی); SN, Seed number per plant (تعداد دانه در بوته); PN, Pod number per plant (تعداد غلاف در بوته); PH, Plant height (ارتفاع بوته); HSW, 100-seed weight (وزن ۱۰۰دانه); HI, Harvest index (شاخص برداشت); BY, Biomass (زیست‌توده); GY, Grain yield (عملکرد دانه); DTM, Days to physiologic maturity (روز تا رسیدگی فیزیولوژیک); DT50P, Days to 50% podding (روز تا ۵۰ درصد غلاف‌دهی) ; DT50F, Days to 50% flowering (روز تا ۵۰ درصد گلدهی).

Mardi *et al*, (2003) در تحقیقی بر روی نخود، عامل اول را که با صفات تعداد دانه در بوته، عملکرد دانه در بوته، تعداد غلاف در بوته، تعداد غلاف در بوته و وزن ۱۰۰ دانه رابطه قوی داشت، به‌عنوان «عامل عملکرد و اجزای عملکرد» معرفی کردند. با توجه به این که دو عامل اصلی اول و دوم، بیشترین تغییرات واریانس داده‌ها را توجیه کردند و صفات عملکرد دانه در بوته و اجزای عملکرد در این عامل‌ها قرار داشتند، از این دو عامل جهت به‌دست‌آوردن پراکنش و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در دستگاه مختصات استفاده شد. همان‌طور که ملاحظه می گردد (شکل۲) ژنوتیپ‌های ۳ و۶ به عنوان ژنوتیپ‌های با عملکرد و اجزای عملکرد بالا شناسایی شدند.

تجزیه خوشه‌ای

تجزیه خوشه‌ای هم به نوعی بیانگر وجود یا عدم وجود تنوع در بین لاین‌ها و در نتیجه تأییدکننده نتایج تجزیه‌های قبلی می‌باشد، به‌طوری‌که نتایج تجزیه خوشه‌ای (شکل ۳) نشان داد ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سه گروه مجزا دسته بندی شدند که پنج ژنوتیپ (۱۲،۱۰،۹،۱۱،۱) در خوشه اول، نُه ژنوتیپ (۲، ۵، ۸، ۴،۱۷، ۱۸، ۷، ۱۴، ۱۶) در خوشه دوم و شش ژنوتیپ (۳، ۶، ۱۳، ۱۵، ۲۰، ۱۹) در خوشه سوم قرار گرفتند. گروه‌بندی‌ها به طورکامل متمایزکننده بود، به‌طوری‌که خوشه دوم شامل لاین‌های با عملکرد دانه در بوته و اجزای عملکرد بالا بود که بر این اساس، این خوشه به‌عنوان «خوشه عملکرد دانه» شناسایی شد. این در حالی‌است که خوشه سوم با دربرداشتن لاین‌های با عملکرد پایین و صفات رویشی بالا، به عنوان «خوشه بنیه رویشی» شناخته شد. در واقع با توجه به بیشترین فاصله ژنتیکی بین دو گروه دوم و سوم (شکل۳ و جدول ۵)، انجام تلاقی بین اعضای این دو خوشه، بیشترین میزان تنوع مصنوعی در اولین نسل تفرق (F_2) را ایجاد خواهد کرد. در تحقیقی (Naderi, 2013) انجام تلاقی بین ژنوتیپ-های با فواصل ژنتیکی دور، جهت ایجاد بیشترین مقدار تنوع ژنتیکی پیشنهاد شد. در تحقیقی (Rao, 2007) تعداد ۱۹ لاین نخود زراعی و پنج ژنوتیپ از نخود وحشی (*Cicer veticulatum*) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، در سه گروه مجزا قرار گرفتند و ژنوتیپ‌های وحشی در یک خوشه مجزا گروه-بندی شدند. در واقع روش‌های مختلف آماری انجام‌شده به نوعی نتایج یکدیگر را تأیید کردند، به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا در یک خوشه و ژنوتیپ‌های با عملکرد پایین هم در یک خوشه مجزا قرار گرفتند. از آنجا که هر چه فاصله ژنتیکی ژنوتیپ‌ها بیشتر باشد، می‌توان به هتروزیس بیشتری دست یافت، می‌توان از لاین‌هایی که در گروه‌های دو و سه مجزا قرار گرفته‌اند و فاصله بیشتری از هم دارند، در برنامه تلاقی استفاده

نمود. در مطالعه ۱۵ ژنوتیپ نخود زراعی بـا اسـتفاده از تجزیـه خوشه، لاین‌های مورد بررسی در سـه گـروه قـرار گرفتنـد و بـا توجه به فاصله گروه‌های دو و سه، ژنوتیـپ‌هـای ایـن دو گـروه می‌توانند به عنوان والدین تلاقی برای دسـتیابی بـه هتـروزیس بیشـتر انتخـاب شـوند (Pezeshkpour *et al*., 2018). در تجزیه خوشه ژنوتیپ‌های مختلف لوبیای معمولی (*Phaseolus vulgaris* L.)، چهار خوشه به‌دست آمد که ژنوتیپ‌های موجود در خوشه اول از نظر میانگین صفات مختلف بیشترین مقـدار را نشان دادند و ژنوتیپ‌هـای موجـود در خوشـه چهـارم در اکثـر صفات کمترین میزان میانگین را نشان دادنـد، بنـابراین تلاقـی ژنوتیپ‌های این دو خوشه امکان تولیـد هیبریـدهای زودرس بـا میانگین عملکرد بالا را نشان مـی‌دهـد (Shafiee Khorshidi *et al*., 2012).



شکل۳- خوشه‌بندی ۲۰ ژنوتیپ نخود بر اساس ۱۳ صفت مختلف تحت شرایط تنش خشکی

Fig. 3. Clustering 20 chickpea genotypes according to 13 different traits under drought stress condition

جدول ۵- ماتریس فاصله بین خوشه‌های ۲۰ ژنوتیپ نخود بر اساس ۱۳ صفت مختلف تحت شرایط تنش خشکی

Table 5. Distance matrix among clusters of 20 chickpea genotypes under drought stress condition

	خوشه اول **Cluster 1**	خوشه دوم **Cluster 2**	خوشه سوم **Cluster 3**
خوشه اول Cluster 1	0	746	825
خوشه دوم Cluster 2		0	1035

تجزیه تابع تشخیص

جهت اطمینان از صحت گروه‌بندی‌های انجام‌شده توسط تجزیه خوشه‌ای، عمل تجزیه تابع تشخیص انجام شد (جدول۶) که نتایج حاصله نشان داد که تمامی ژنوتیپ‌ها به‌طور صددرصد صحیح گروه‌بندی شده‌اند. برای مثال نتایج تجزیه تابع تشخیص نشان داد کـه شـش ژنـوتیپی که دارای عملکرد بالایی بودند، با اطمینـــــان صددرصد به درستی در خوشه دوم قرار گرفتند. محققـان مختلـف (Safari *et al*., Moosavi *et al*., 2015; 2008; Ghorbani, 2009) از روش تجزیـه تـابع تشـخیص، برای آزمون صحت گـروه‌بنـدی حاصـل از تجزیـه خوشـه‌ای در گیاهان مختلف استفاده کرده‌اند.

ضریب تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی

نتایج نشان داد که علاوه بـر عملکـرد دانـه، صـفات مهـم وزن۱۰۰دانه، زیست‌توده، تعداد شاخه فرعی، تعداد دانه در بوته و تعداد غلاف در بوته دارای بیشترین ضریب تغییـرات ژنتیکـی بودند (جدول ۷). بنـابراین انتخـاب غیرمسـتقیم بـرای صـفات زیست‌توده، تعداد دانه در بوته و تعداد غـلاف در بوتـه، در بـین لاین‌هـای مـورد مطالعـه ممکـن اسـت کـه منجـر بـه افـزایش غیرمستقیم عملکرد دانه در شرایط دیم شود.

جدول ۶- نتایج تجزیه تابع تشخیص برای ۲۰ ژنوتیپ نخود تحت شرایط تنش خشکی

Table 6. Results of discriminant function analysis for 20 chickpea genotypes under drought stress condition

شماره خوشه Cluster No.		اعضای پیش‌بینی‌شده برای هر خوشه Predicted number for any cluster Predicted group membership			کل Total
		1	2	3	
1	تعداد Count	5	0	0	5
2		0	6	0	6
3		0	0	9	9
1	درصد Percent	100	0	0	100
2		0	100	0	100
3		0	0	100	100

در حقیقت طبق نتایج این تحقیق، استفاده از این صفات در برنامه‌های به‌نژادی این لاین‌های امیدبخش در آینده قابل توصیه می‌باشد. در تحقیقی (Moucheshi, 2010) اظهار شد که بیشترین وراثت‌پذیری مربوط به صفات تعداد غلاف در بوته، تعداد دانه در بوته و وزن۱۰۰دانه بود. در مطالعه تنوع ژنتیکی ۲۵ ژنوتیپ نخود زراعی (Dwevedi & Gaibriyal, 2009) ضریب تنوع فنوتیپی و ضریب تنوع ژنوتیپی بالایی به‌ترتیب جهت صفات تعداد غلاف در بوته و شاخص برداشت مشاهده گردید که استفاده از این دو صفت برای بهبود عملکرد دانه پیشنهاد گردید. همچنین بالابودن ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی برای صفات نشان‌دهنده دامنه گسترده تغییرات برای این صفات است (Singh *et al* ., 2014). نتایج به‌دست‌آمده (جدول۷) نشان می‌دهد که در برخی صفات بین ضریب تغییرات فنوتیپی و ضریب تغییرات ژنوتیپی تفاوت ناچیزی مشاهده می‌شود که نشان‌دهنده ناچیزبودن اثرات محیطی بر بیان صفات است، ولی چنانچه مقدار ضرایب فنوتیپی خیلی بیشتر از ضریب تغییرات ژنوتیپی باشد، دلالت بر بالابودن میزان اثرات محیطی است (Singh *et al* ., 2014). در تحقیقی بر روی نخود (Moosavi *et al*., 2017) اظهار شد که بالاترین میزان وراثت‌پذیری، به‌ترتیب مربوط به صفات وزن۱۰۰دانه و زیست‌توده و کمترین وراثت‌پذیری مربوط به صفات روز تا رسیدگی فیزیولوژیک، روز تا گلدهی و تعداد غلاف در بوته بود.

جدول ۷- برآورد ضریب تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی برای صفات مختلف در ۲۰ ژنوتیپ نخود تحت شرایط تنش خشکی

Table 7. Estimation of GCV and PCV for different traits in 20 genotypes of chickpea under drought stress condition

Traits	صفات	ضریب تنوع ژنوتیپی (درصد) (GCV%)	ضریب تنوع فنوتیپی (درصد) (PCV%)
Relative water content	محتوای آب نسبی	15.83	19.65
Sub-branche number	تعداد شاخه فرعی	22.77	28.46
Main branche number	تعداد شاخه اصلی	21.80	27.87
Seed number per plant	تعداد دانه در بوته	22.24	27.92
Pod number per plant	تعداد غلاف در بوته	22.01	29.55
Plant height	ارتفاع بوته	18.50	22.75
100-Seed weight	وزن۱۰۰دانه	49.76	50.02
Harvest index	شاخص برداشت	7.71	10.69
Biomass	زیست‌توده	34.41	37.91
Grain yield	عملکرد دانه	28.99	32
Days to physiologic maturity	روز تا رسیدگی فیزیولوژیک	2.66	3.87
Days to 50% podding	روز تا ۵۰ درصد غلاف‌دهی	2.67	3.29
Days to 50% flowering	روز تا ۵۰ درصد گلدهی	4.13	5.61

نتیجه‌گیری

به طور کلی می‌توان نتیجه گرفت که روش‌های مختلف آماری، تنوع قابل توجهی را در این ژرم‌پلاسم نشان دادند و از طرفی دیگر، این روش‌ها نتایج یکدیگر را به‌طور قابل توجهی تأیید کردند. به‌طور مثال نتایج تجزیه مؤلفه‌های اصلی تطابق خوبی با نتایج تجزیه عاملی و تجزیه خوشه‌ای داشت. از طرف دیگر، نتایج تجزیه تابع تشخیص، گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای را به‌طور صددرصد تأیید کرد. طبق نتایج حاصله، انتخاب برای مقدار

بیشتر صفات زیست‌توده، تعداد غلاف در بوته و تعداد دانه در بوته و مقدار کمتر تعداد شاخه اصلی در بوته، جهت بهبود عملکرد دانه تحت شرایط دیم و در شرایط مشابه با این آزمایش پیشنهاد می‌گردد، به‌طوری‌که دو صفت تعداد غلاف در بوته و تعداد دانه در بوته به‌عنوان مهم‌ترین اجزای عملکرد دانه تحت شرایط این آزمایش معرفی شدند و مشخص شد که مطلوب ترین ژنوتیپ‌های این آزمایش بیشتر از طریق تعداد دانه در بوته و نه وزن ۱۰۰دانه عملکرد خود را افزایش داده‌اند. از طرفی دیگر، با توجه به وجود تنوع بالا برای صفت زیست‌توده و با توجه به بیشترین همراستایی آن با عملکرد دانه، انتخاب برای افزایش زیست‌توده، به‌طور غیرمستقیم منجر به بهبود عملکرد دانه در برنامه‌های آتی این ژرم‌پلاسم خواهد شد. همچنین با توجه به بیشترین فاصله ژنتیکی بین اعضای دو خوشه دوم و سوم، ژنوتیپ‌های این دو گروه می‌توانند به عنوان والدین تلاقی برای دستیابی به بیشترین تنوع ژنتیکی و هتروزیس احتمالی پیشنهاد شوند.

منابع

1. Abhari, A., Azizi, E., and Hares Abadi, B. 2017. Effect of superabsorbent on yield and yield components of chickpea in drought stress conditions of the end of the season. Iranian Journal of Crop Production 3: 21-32. (In Persian).
2. Aghaei, M., Kohpaiegani, A., Vaezi, Sh., and Jahangiri, A. 2005. Potential of genetic diversity in Iranian Chickpea Collection. Articles of the First National Congress Pulses, Institute for Plant Sciences, Ferdowsi University of Mashhad. (In Persian).
3. Akbari, L., Khodambashi-Emami, M., and Hoshmand, S. 2014. Genetic parameters of seed yield, yield components and plant height in lentil. Iranian Journal of Seed and Plant Improvement 3: 10-30. (In Persian).
4. Anonymous. 2009. Ministry of Jahad Agriculture. Agriculture Statistical Yearbook of Iran. Volume 1. (In Persian).
5. Ashraf, M., and Hariss, P.J.C. 2013. Photosynthesis under stressful environments: An overview. Journal of Photosynthetica 51(2): 163-190.
6. Broughton, W.J.G., Hernández, M, Blair, S., Beebe, P.G., and Vanderleyden J. 2003. Beans model food legume. Plant Soil 252: 55-128.
7. Chegamirza, Sh., Chegamirza, K., and Mohammadi, R. 2012. Study of genetic variation in cultivars and landraces of chickpea based on agronomic traits in dry land conditions. Iranian Journal of Agriculture Science 1(1): 108-119. (In Persian).
8. Dwevdi, K.K., and Gaibriyal, M. 2009. Assessment of genetic diversity of cultivated chickpea (*Cicer arietinum L.*). Asian Journal of Agriculture Science 1(1): 7-18.
9. Falconer, D.S., and Mackay, F.C. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Publisher, Longman New York, Fourth edition. 464 pp.
10. FAO. 2010. FAOSTAT. Available in http/faostat.fao.org/ (28 May 2010).
11. FAO. 2017. Statistical Database. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy (htpp/www.apps.fao.org).
12. Ganjali A., Bagheri, A., and Porsa, H. 2009. Evaluation of chickpea (*Cicer arietinum L.*) germplasm for drought resistance. Iran Agronomic Researches Journal 7(1): 183-194.
13. Ghafoor, A., Gulbaaz, F.N., Afzal, M., Ashraf M., and Arshad, M. 2003. Inter-relationship between SDS-PAGE markers and agronomic traits in chickpea (*Cicer arietinum L.*). Pakistan Journal of Botany 35: 613-624.
14. Ghorbani, H., Samizadeh Lahiji, H.A., Rabiei, B., and Allahgholipour, M. 2009. Grouping different rice genotypes using factor and cluster analyses. Sustain Agriculture 21(3): 89-105.
15. Hallauer, A.R., and Miranda, J.B. 1998. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press, Ames Iowa.
16. Hamayoon, R., Khan, H., Shah, S., Naz, L., Munir, I., Arif, M., Khalil I.A., and Khan, A.Z. 2011. Performance of chickpea genotypes under two different environmental conditions. African Journal of Biotechnology 10: 1534-1544.
17. Hassan, A.S., Okuofu, C.A., and Balogun, J.K. 2008. The use of biological index of pollution (BIP) in assessing quality of rural water sources in Zaria, Nigeria. Science World Journal 3(2): 101-105.
18. Imtiaz, M. 2010. A quantitative genetic approach to drought tolerance in chickpea. ASA, CAAS. And SSSA International Annual Meetings Long Beach, California, 31 Oct.-4 Nov.
19. Jackson, J.E. 1991. A user’ s Guide to Principle Components. Wiley Inter-Science. New York, U.S.A. 569 pp

20. Jahansouz, M., Naghavi, M., and Dolati, M. 2005. A study of relationships between different traits in white and black chickpea. Iranian Journal of Agriculture Science 35(3): 573-579. (In Persian).
21. Kamel, M., and Moradi, P. 2008. Determination of traits effective on seed yield of 36 lines of chickpea (*Cicer arietinum* L.) in northwest provinces of Iran in dry land conditions. Seed and Plant Journal 24(2): 347-257.
22. Kanouni, H. 2001. The yielding ability and adaptability of chickpea cultivars under rain-fed conditions of Kurdistan. Seed and Plant Journal 17(1): 1-11.
23. Mahmoodi, F., and Keshavarz, K. 2010. A new chickpea cultivar for dryland moderate and semi warm climate of Iran. Seed and Plant Improvement 26(2): 293-296. (In Persian with English Summary).
24. Majnoon-Hosieni, N. 1993. Legumes in Iran. Tehran University Publisher. P 240. (In Persian).
25. Malik, S.R., Shabbir, G., Zubir , M., Iqbal, S.M., and Ali, A. 201 4. Genetic diversity analysis of morphogenetic traits in Desi chickpea (*Cicer arietinum* L.). International Journal of Agriculture and Biology 16: 956-960.
26. Mardi, M., Taleei, A., and Omidi, M. 2003. A study of genetic diversity and identification of yield components in Desi chickpea. Iranian Journal of Agricultural Science 34(2): 345-351. (In Persian).
27. Mohammadali-Pouryamchi, H., Bihamta, M.R., Peighambari, S.A., and Naghavi., M.R .2012. Effect of terminal drought stress on grain yield and yield components in Kabuli chickpea genotypes. Iranian Journal of Crop Sciences 14(3): 202-217. (In Persian).
28. Mohammadi, S.A., and Prasanna, B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plant-salient statistical tools and consideration. Crop Science 43: 1235-1248.
29. Moosavi, S.S., Abdollahi, M.R., Kian-Ersi, F., and Ahmadi Dehrashid, D. 2017. Assessing genetic diversity and heritability of effective traits on the yield of chickpea (*Cicer arietinum* L.) under rain-fed condition. Iranian Journal of Pulses Research 8(1): 192-208. (In Persian with English Summary).
30. Moosavi, S.S., Kian- Ersi, F., Afuni, D., and Abdollahi, M.R. 2016. Assessing grain yield of bread wheat promising lines and identifying agro-morphological traits related to yield under terminal moisture stress. Journal of Crop Productin and Processing Winter 5(18): 91-104. (In Persian).
31. Moucheshi, A., Heidari, B., and Dadkhodaie, A. 2010. Genetic variation and agronomic evaluation of chickpea cultivars for grain yield and its components under irrigated and rain fed growing conditions. Iran Agricultural Research 29: 10-21. (In Persian).
32. Nabovati, S., AghaeiSarbarze, M., Chokan, R., Ghanavati, F., and Najafian, Gh. 2010. Genetic variation in agronomic characteristics and grain quality traits of durum wheat genotypes. Seed and Plant Journal 26(3): 205-218.
33. Naderi, H., Shokrpour, M., Asghari, A., Kanouni, H., and Esfandiari, E. 2013. Evaluation of cold tolerance in winter sowing of chickpea (*Cicer arietinum* L.) using morphological and phenological traits in Kurdistan region. Iranian Journal of Pulses Research 4(1): 69-80. (In Persian).
34. Naghavi, M.R., and Jahansouz, M.R. 2005. Variation in the agronomic and morphological traits of Iranian chickpea accessions. Journal of Integrative Plant Biology 47(3): 375-379.
35. Najibnia, S., Nezami, A., Bagheri, A., and Porsa, H. 2008. Study of phenological and morphological characteristics of chickpea (*Cicer arietinum* L.) cold tolerant genotypes in fall planting. Iran Agronomic Researchs Journal 6(1): 183-192.
36. Naz, N,. Hamed, M., Ashraf, M., Arshad, M., and Sajid Aqeel Ahmad, M. 2010. Impact of salinity on species association and phytosociology of halophytic plant community in the cholistan desert. Pakistan Journal of Botany 42(4): 2359-2367.
37. Ozveren Yucel, D., Anlarsal, A.E., and Yücel, C. 2006. Genetic variability, correlation and path analysis of yield and yield components in chickpea (*Cicer arietinum* L.). Turkish Journal of Agricultural and Forestry 30: 183-188.
38. Pezeshkpour, P., and Afkar, S. 2018. The study of genetic diversity, heritability and genetic advance of morphological traits, yield and yield components in different chickpea (*Cicer arietinum*) genotypes. Journal of Crop Breeding 9(24): 61-68.
39. Ramirez-Vallejo, P., and Kelly, J.D. 1998. Traits related to drought resistance in common bean. Euphytica 99: 127-136.
40. Rao, L.S., Ran, U.P., Deshmukh, P.S., Kumar, P.A., and Panguluri, S.K. 2007. RAPD and ISSR fingerprinting in cultivated chickpea (*Cicer arietinum L.*) and its wild progenitor *Cicer reticulatum*. Genetic Resource Crop Evolution 54: 1235-1244.
41. Renganayaki, K., Read, J.C., and Fritz, A.K. 2001. Genetic diversity among tegxas bluegrass (PoaarachniferaTorr.) revealed by AFLP and RAPD markers. Theoretical and Applied Genetics 2: 1037-1045.

42. Salimi, S., Lahiji, H.S., Abadi, G.M., Salimi, S., and Moradi, S. 2012. Genetic diversity in soybean genotypes under drought stress condition using factor analysis and cluster analysis. World Applied Science Journal 16: 474-478.
43. Shafiee Khorshidi, M., Bihamta, M.R., Khialparast, F., and Naghavi, M.R. 2012. Assessment of genetic variation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes under drought condition using cluster and canonical discriminant analysis (CDA). Journal of Crop Breeding 4: 1-17. (In Persian).
44. Shiv, S., Iquebal, M.A., Singh, N.P., Solanki, R., and Sarika, K. 2012. Genetic diversity studies in chickpea (*Cicer arietinum L.*) germplasm. Journal of Food Legumes 25: 31-36.
45. Siddique, M.R.B., Hamid, A., and Islam, M.S. 1999. Drought stress effects on photosynthetic rate and leaf gas exchange of wheat. Botanical Bulletin of Academia Science 40: 141-145.
46. Singh, R.K., and Chaudhary, B.D. 1979. Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis. p: 303. Kelyani Publisher, New Delhi, India.
47. Singh, T.P., Raiger, H.L., Kumari, J., Singh, K., and Deshmukh, P.S. 2014. Evaluation of Chickpea genotypes for variability in seed protein content and yield components under restricted soil moisture condition. Indian Journal of Plant Physiology 19: 273-280.
48. Tahir, N.A.R., and Karim, H.F.H. 2011. Determination of genetic relationship among some varieties of chickpea (*Cicer arietinum L.*) in Sulaimani by RAPD and ISSR markers. Jordan Journal of Biological Sciences 4: 77-86.
49. Toker, C., and Cagirgan, M.I. 2004. The use of phenotypic correlations and factor analysis in determining characters for grain yield selection in chickpea (*Cicer arietinum L.*). Journal of Hereditas 140: 226-228.
50. Zheleva, D., Todorovska, E., Chirstov, N., Ivanov, P., Ivanov, I., and Todorov, I. 2007. Assessing the genetic variation in Bulgarian bred wheat varieties by biochemical and molecular methods. Biotechnology and Biotechnology Equipment 12: 311-321.

Iranian Journal of Pulses Research
Vol. 11, No. 2, 2020, p. 150-163 (Research Article)

Assessing variability and detecting the effective traits on yield of chickpea (*Cicer arietinum* L.) promising lines under drought stress condition

Moosavi[1*], S.S., Abdollahi[2], M.R., Abdi[3], F. & Kanouni[4], H.

1. Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran
2. Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran; m.abdollahi@basu.ac.ir
3. PhD. Student, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran; fatemeh.abdi.ba@gmail.com
4. Associate Professor, Kordestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sanandaj, Iran; hkanouni@gmail.com

Received: 24 April 2018
Accepted: 20 May 2019

DOI: 10.22067/ijpr.v11i2.70383

Introduction

Chickpea is one of the most important pulses in the world and it plays a key role in feeding of people in Iran. Iran is one of the original centers of chickpea. This plant has a significant genetic diversity and has favorable conditions for breeding and introducing new cultivars in Iran. According to FAO reports (2014), the average grain yield of chickpea in Iran with a cultivated area of 565 thousand hectares and an average yield of 557 kg per hectare is very low compared to the average of the major countries producing chickpeas. In order to solve this problem, identification of the initial variety of lines and cultivars to start the program is of particular importance. In fact, three factors of heredity, high diversity and severity of selection are effective factors in increasing the response to selection. In this regard, there are various methods for estimating genetic variation in plant species, one of the most important of these methods is multivariate analysis. It is necessary to use these methods for the classification of germplasm and the analysis of the genetic relationships existing between the modifying materials. Among the various methods of multivariate analysis, the principal component analysis, factor analysis, cluster analysis and decomposition function analysis are among the most important of these methods. In fact, one of the important goals of an outbreak is to select the best genotypes. In order to achieve this goal, the studied population should have a significant variation in terms of the characteristics studied, which knowledge of this diversity requires evaluation of the germplasm.

Materials and Methods

This study included 20 chickpea (*Cicer arietinum* L.) promising lines were planted in a randomized complete block design with three replications in 2013 growing season. To evaluate the diversity of lines based on important agro-morphological traits and to achieve the desired goals, various statistical methods including principal component analysis, factor analysis, cluster analysis and decomposition function analysis were used. Genotypic coefficient of variance (GCV) and phenotype coefficient of variance (PCV) using genotype variance and phenotype variance, respectively, were calculated. All calculations and statistical analyzes such as component analysis, cluster analysis, and decomposition function analysis were performed using SPSS and Minitab software.

***Corresponding Author:** s.moosavi@basu.ac.ir

Results and Discussion

The lowest and the highest coefficient of genotypic changes were related to day physiology (2.66%) and 100-seed weight (49.76%). The results showed that the three main first components explained 76% of the total variance of the traits totally. The first and second components were named as "component of grain yield increase" and "vegetative growth component". The results of factor analysis were consistent with the results of the principal component analysis. In order to cluster the studied lines and for their grouping based on the studied traits, Ward method and Pearson’s square distance matrix were used. According to the cluster analysis, the genotypes were located in three distinct groups, so that the second and third clusters had the highest genetic distance and they were recognized as “yield clusters" and "vegetative growth cluster", respectively. Therefore, crossing between the two above mentioned-groups, will result to high artificial diversity in the future generations. According to the cluster analysis, the lines were divided into three separate clusters. Discriminant function analysis confirmed the cluster grouping completely. In a study, nineteen chickpea lines and five genotypes of wild chickpea (*Cicer veticulatum*) were classified into three distinct groups using cluster analysis, so that wild-type genotypes in one group and two lines of cropping lines were grouped separately from other lines. Ganjali *et al*, (2009), applied the multivariate bi-plot analysis to evaluate the variation in chickpea germplasm for drought resistance.

Conclusion

There was a remarkable genetic diversity for the current germplasm, therefore existence a high level of genetic diversity and a remarkable GVC for the trait of 100-seed weight indicating that this trait can be used as a suitable character for yield improvement in the germplasm and under this experiment conditions. Finally, selection for high levels of biomass, pod number per plant and seed number per plant, and a low amount of main branches number, will increase the grain yield in the future breeding program.

Keywords: Cluster analysis, Discriminant function, Drought stress, Factor analysis, Principal component analysis